

# Le printemps de Baillarguet

Journées des non-titulaires

Les 2 et 3 juin 2016

Ouvert à tous



## Salle de réunion du CBGP

[printemps\\_baillarguet@cirad.fr](mailto:printemps_baillarguet@cirad.fr)

<http://printemps-baillarguet.e-monsite.com/>



**INRA**  
SCIENCE & IMPACT



Biodiversité  
Agriculture  
Alimentation  
Environnement  
Terre  
Eau





---

Actes du Printemps de Baillarguet  
8<sup>ème</sup> édition  
2 et 3 juin 2016  
Montferrier-sur-Lez, France

Le comité d'organisation

*Berthelot Edwige*

*Diagne Christophe*

*Hammami Pachka*

*Lesieur Vincent*

*Lies Adrien*

*Rombaut Antoine*



© 2016, Comité d'organisation du Printemps de Baillarguet  
Campus international de Baillarguet — 34980 Montferrier sur Lez (France)

E-mail : [printemps\\_baillarguet@cirad.fr](mailto:printemps_baillarguet@cirad.fr)

URL : [www.printemps-baillarguet.e-monsite.com](http://www.printemps-baillarguet.e-monsite.com)

**Version numérique : <http://agritrop.cirad.fr/580503/>**

Cette oeuvre est sous licence Creative Commons. Vous êtes libre de reproduire, de modifier, de distribuer et de communiquer cette création au public selon les conditions suivantes :

- **ATTRIBUTION (BY)** : Toutes les licences Creative Commons obligent ceux qui utilisent vos oeuvres à vous créditer de la manière dont vous le demandez, sans pour autant suggérer que vous approuvez leur utilisation ou leur donner votre aval ou votre soutien ;
- **PAS D'UTILISATION COMMERCIALE (NC)** : Vous autorisez les autres à reproduire, à diffuser et (à moins que vous choisissiez 'Pas de Modification') à modifier votre oeuvre, pour toute utilisation autre que commerciale, à moins qu'ils obtiennent votre autorisation au préalable ;
- **PAS DE MODIFICATION (ND)** : Vous autorisez la reproduction et la diffusion uniquement de l'original de votre oeuvre. Si quelqu'un veut la modifier, il doit obtenir votre autorisation préalable.

Pas de restrictions complémentaires — Vous n'êtes pas autorisé à appliquer des conditions légales ou des mesures techniques qui restreindraient légalement autrui à utiliser l'Oeuvre dans les conditions décrites par la licence.

---

## Analyse du transcriptome du champignon *Magnaporthe oryzae* et d'une bactérie du genre *Burkholderia* mis en confrontation *in vitro*

Abdillah MOHAMED<sup>1,\*</sup>, Elisabeth FOURNIER<sup>1</sup>, Sandrine CROS-ARTEIL<sup>1</sup>, Sébastien RAVEL<sup>1</sup>

1. UMR BGPI (INRA, CIRAD, SupAgro), Campus International de Baillarguet, 34398 Montpellier Cedex 05, France.

\* Corresponding author : abdillah.mohamed@etu.umontpellier.fr

**Abstract** La plante héberge de nombreux microorganismes commensaux ou pathogènes, au niveau de la phyllosphère ou de la rhizosphère. Ces microorganismes interagissent avec la plante mais aussi entre eux. Les interactions négatives entre micro-organismes, ou antibiose, pourraient être utilisées en lutte biologique. Différents mécanismes d'action chez des bactéries capables d'inhiber la croissance de champignons ont été décrits, soit directs (sécrétion d'antibiotiques, d'enzymes extracellulaires ou d'autres molécules antifongiques), soit indirects (compétition interspécifique pour les nutriments, induction d'une résistance systémique). Ce projet vise à étudier, par une approche de co-transcriptome, l'action antagoniste (démontrée *in vitro*) de la bactérie *Burkholderia gladioli* (Bg) régulièrement trouvée dans la phyllosphère du riz, sur le champignon phytopathogène *Magnaporthe oryzae* (Mo) responsable de la pyriculariose du riz. Nous avons extrait les ARN totaux de Mo et de Bg après 3 jours de confrontation en boîte de Pétri, en comparaison de situations témoins (cultures seules des deux organismes). Ces transcriptomes vont être séquencés avec la technique RNAseq. Nous allons comparer le transcriptome de chaque condition (témoin et confrontation). Ceci nous permettra de déterminer les gènes bactériens différentiellement exprimés au cours de l'antibiose. Les candidats possibles incluent les systèmes de sécrétion, les voies de synthèse des enzymes chitinolytiques, ou du métabolisme secondaire. Nous déterminerons également les gènes fongiques impliqués dans la perception et la réponse à la présence de la bactérie. Les candidats possibles incluent les gènes du métabolisme des glucides, de la réponse au stress, des oxydoréductases, les gènes impliqués dans la reconnaissance du soi, et des cascades de signalisation des champignons. Les résultats de ce travail pourront contribuer à l'élaboration de méthodes de biocontrôle pour aider à réduire l'utilisation des produits phytosanitaires sur le riz.

**Keywords :** Champignon phytopathogène, bactérie antagoniste, RNAseq, riz, lutte biologique